



Идентификация генов, ассоциированных с устойчивостью льна к пасмо

А. С. Симагина, Е. А. Вертикова

Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Анастасия Сергеевна Симагина, klepikova.anastasi@yandex.ru

Актуальность. Пасмо (септориоз) льна, вызываемое патогенным грибом *Septoria linicola* (Speg.) Garass, представляет собой одно из наиболее экономически вредоносных заболеваний этой культуры. Болезнь наносит значительный ущерб, приводя к существенному снижению урожайности и ухудшению качества волокна и семян. Отсутствие в производстве устойчивых сортов обуславливает высокую актуальность поиска и молекулярной идентификации генов устойчивости для их последующего использования в селекционных программах. **Материалы и методы.** Объектом исследования служили 46 сортов льна *Linum usitatissimum* L., из которых 29 относились к льну-долгунцу и 17 – ко льну масличному. В работе проводили ПЦР-скрининг на наличие двух генов-кандидатов устойчивости к пасмо: *Lus10003106*, кодирующего рецептор-подобную киназу, участвующую в индуцированном патогенами иммунитете (РТИ), и *Lus10022077*, кодирующего белок семейства NBS-LRR, ключевой для эффектор-индуцированного иммунитета (ЕТИ). Амплификацию целевых фрагментов проводили методом qPCR-RT со специфичными праймерами. **Результаты.** В результате ПЦР-анализа ген *Lus10003106* был выявлен у 18 из 29 изученных сортов льна-долгунца. Ген *Lus10022077* идентифицирован у 16 сортов льна-долгунца и 11 сортов льна масличного. Молекулярный анализ показал наличие обоих исследуемых генов у 13 образцов льна-долгунца. **Заключение.** Проведенный скрининг позволил выявить сорта льна, у которых обнаружены соответствующие гены, ассоциированные с различными типами иммунного ответа – базовым (РТИ) и специфичным (ЕТИ). Наличие целевых генов у исследуемых образцов указывает на потенциальную устойчивость к пасмо, однако требует дальнейшего подтверждения в фитопатологических исследованиях с использованием штаммов из популяции льносеющих регионов России. Данные генотипы могут представлять потенциальную ценность в качестве доноров для селекционных программ, направленных на создание сортов льна с высокой устойчивостью к патогену.

Ключевые слова: лен-долгунец, лен масличный, *Septoria linicola*, устойчивость, ПЦР-анализ, селекция, маркеры, генетический анализ

Для цитирования: Симагина А.С., Вертикова Е.А. Идентификация генов, ассоциированных с устойчивостью льна к пасмо. *Биотехнология и селекция растений*. 2026;9(3):. DOI: 10.30901/2658-6266-2026-3-03

Прозрачность финансовой деятельности: авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Симагина А.С., Вертикова Е.А., 2026

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2026-3-03

Identification of genes associated with flax resistance to pasmo

Anastasia S. Simagina, Elena A. Vertikova

Russian State Agrarian University – Moscow K.A. Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russia

Corresponding author: Anastasia S. Simagina, klepikova.anastasi@yandex.ru

Background. Pasm disease of flax caused by the pathogenic fungus *Septoria linicola* (Speg.) Garass is one of the most economically damaging diseases of this crop. The disease causes significant losses, leading to a substantial reduction in yield and deterioration of fiber and seed quality. The lack of resistant cultivars in commercial production makes the search for and molecular identification of resistance genes highly relevant for their subsequent use in breeding programs. **Materials and methods.** The study objects were 46 *Linum usitatissimum* L. cultivars, 29 of which were fiber flax and 17 oilseed flax. PCR screening was performed for two candidate genes for pasmo resistance: *Lus10003106*, encoding a receptor-like kinase involved in pathogen-triggered immunity (PTI), and *Lus10022077*, encoding an NBS-LRR family protein, which is key to effector-triggered immunity (ETI). Amplification of target fragments was carried out by qPCR-RT with specific primers. **Results.** As a result of PCR analysis, the *Lus10003106* gene was detected in 18 out of 29 studied fiber flax cultivars. The *Lus10022077* gene was identified in 16 fiber flax and 11 oilseed flax cultivars. Molecular analysis showed the presence of both candidate genes in 13 fiber flax accessions. **Conclusion.** The conducted screening allowed the identification of flax accessions carrying the respective genes associated with different types of immune response – basal (PTI) and specific (ETI). The presence of candidate genes in the studied accessions indicated potential resistance to pasmo; however, this requires further confirmation through phytopathological studies using strains from flax-growing regions of Russia. These genotypes may be of potential value as donors in breeding programs aimed at developing flax cultivars with high resistance to the pathogen.

Keywords: flax, oilseed flax, *Septoria linicola*, resistance, PCR analysis, breeding, markers, genetic analysis

For citation: Simagina A.S, Vertikova E.A. Identification of genes associated with flax resistance to pasmo. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2026;9(3):. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2026-3-03

Financial transparency: the authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Simagina A.S, Vertikova E.A., 2026

Введение

Лен культурный *Linum usitatissimum* L. является важной сельскохозяйственной культурой, имеющей многоцелевое значение – от производства текстильных волокон до получения пищевого и технического масла (Kutuzova et al., 2015; Porokhovinova et al., 2018). Однако продуктивность льна и качество его продукции существенно ограничиваются воздействием биотических стрессов (Akhmetshina et al., 2020; Kolotov, Porokhovinova, 2025). Пасмо (септориоз) – одно из наиболее вредоносных и распространенных болезней в льносеющих регионах мира, особенно в странах с умеренным климатом. Эта болезнь, вызываемая грибом *Septoria linicola* (Speg.) Garass., поражает все надземные органы растения, может приводить к сильным потерям урожая, достигающим 50% и более, а также к резкому снижению качества волокна и масличности семян (Kudryavtseva, Rozhmina, 2023).

На льне вредоносность пасмо проявляется в основном в предуборочный период. В настоящее время устойчивые сорта льна-долгунца и льна масличного в производстве отсутствуют (Kudryavtseva, Rozhmina, 2023). В России пасмо является внутренним карантинным объектом для льна масличного, в связи с чем при обнаружении болезни вводятся строгие ограничения на вывоз и использование семенного материала из зараженных зон. Данный патоген имеет карантинный статус и в ряде других стран, в числе которых Беларусь, Египет, Китай, Южная Корея, Узбекистан, закупающие льнопродукцию в России. Это подчеркивает экономическую значимость необходимости разработки эффективных методов контроля патогена (Dudchenko et al., 2022). Селекция устойчивых сортов остаётся наиболее эффективной стратегией борьбы с заболеванием, однако её успех зависит от понимания генетических основ иммунитета (Simagin et al., 2023). Устойчивость растений к патогенам часто контролируется генами, кодирующими белки, участвующие в распознавании инфекции и запуске защитных реакций (Ali et al., 2024). Ключевыми из них являются два больших семейства: рецептор-подобные киназы (RLK), отвечающие за распознавание консервативных молекулярных паттернов патогена и опосредующие PAMP (от англ. Pathogen-Associated Molecular Patterns)-триггерный иммунитет (PTI), и белки TIR-NBS-LRR, которые обеспечивают специфичное распознавание эффекторов патогена и запуск эффектор-индуцированного иммунитета (ETI; Jones, Dangl, 2006; Boller, Felix, 2009; Zipfel, 2014).

В последние годы значительный прогресс в изучении устойчивости растений к грибным патогенам связан с использованием геномных и молекулярно-генетических методов, включая анализ последовательностей генов, транскриптомные исследования и идентификацию генов-кандидатов иммунного ответа (Porokhovinova et al., 2021). Показано, что рецептор-подобные киназы и белки семейства NBS-LRR играют важную роль в формировании устойчивости растений к различным фитопатогенам

и могут использоваться в качестве маркеров при оценке генетических ресурсов сельскохозяйственных культур (He et al., 2019; Chen et al., 2025).

Несмотря на значительный прогресс в изучении механизмов иммунитета растений, молекулярно-генетические основы устойчивости льна к возбудителю пасмо остаются недостаточно изученными (Zipfel, 2014). Для льна культурного проводятся исследования по выявлению генов, потенциально вовлечённых в формирование устойчивости к возбудителю пасмо *Septoria linicola*. В частности, показано наличие генов, кодирующих рецептор-подобные киназы, которые рассматриваются как кандидаты, участвующие в иммунном ответе растения на заражение (Chen et al., 2025). Однако распространённость данных генов в коллекциях сортов льна и их связь с устойчивостью к заболеванию остаются малоисследованными, что определяет актуальность работы в этом направлении.

В исследованиях He с соавторами (He et al., 2019) с использованием полногеномного поиска ассоциаций (GWAS) были идентифицированы ключевые геномные области, контролирующие устойчивость к *S. linicola*. В частности, было установлено, что устойчивость к пасмо носит полигенный характер, а наиболее значимые QTL локализованы на хромосомах 1, 3, 6 и 9 (He et al., 2019). Эти области часто перекрываются с кластерами генов, кодирующих белки с доменами NBS-LRR (Nucleotide Binding Site-Leucine Rich Repeat).

Особое внимание исследователей сосредоточено на функциональных маркерах (табл. 1), разработанных непосредственно на основе последовательностей генов-кандидатов. К ним относятся:

1. Гены семейства RLK (Receptor-like kinases), которые кодируют поверхностные рецепторы, распознающие хитин гриба или другие паттерны патогена (PAMP). Маркеры к генам типа *Lus10003106* позволяют выявлять потенциал базового иммунитета (PTI), который обеспечивает широкую, хотя и не всегда абсолютную устойчивость (You et al., 2022).

2. Гены семейств TNL и CNL (NBS-LRR), например, *Lus10022077*. Маркеры к этим генам ассоциированы со специфичным распознаванием эффекторов *S. linicola*.

Большинство из разработанных маркеров для генов-кандидатов было получено и апробировано на коллекциях североамериканского или китайского происхождения. Необходима проверка их эффективности на российском селекционном материале с использованием штаммов (изолятов) патогена, выделенных из растительного материала культуры, собранного в льносеющих регионах Российской Федерации.

В связи с этим актуальной задачей является выявление генов-кандидатов, потенциально связанных с устойчивостью льна к пасмо, у российских образцов, что может способствовать разработке молекулярных подходов к оценке селекционного материала и дальнейшему изучению генетических механизмов устойчивости (Akhmetshina et al., 2020).

**Таблица 1. Характеристика праймеров и генов-кандидатов
Lus10003106 и *Lus10022077***

**Table 1. Characteristics of primers and candidate genes
Lus10003106 and *Lus10022077***

Характеристика/ Characteristic	Ген-кандидат/ Candidate gene	
	<i>Lus10003106</i>	<i>Lus10022077</i>
Последовательность 5'→3'/ Sequence 5'→3' F	TGTCCTCATTACCTTGGGAG	GGCTGGATTAGTTGTCAAGG
Последовательность 5'→3'/ Sequence 5'→3' R	GAATCTTGCGGTATTCGGAG	CCGTAAATCAGTCAGCGAA
Локализация в геноме/ Location in the genome	Хромосома 1	Хромосома 6
Размер гена (пн)/ Gene size (bp)	~2100	~3400
Размер ампликона (пн)/ Amplicon size (bp)	126	114
Область посадки/ Annealing site	Экзон (киназный домен)	Экзон (NBS-домен)
Аннотированное название/ Annotated name	Рецептор-подобная киназа 10 (RLK10)	Белок семейства NBS-LRR
Класс белка, Семейство/ Protein class, family	LecRLK (Lectin Receptor-Like Kinase)	CNL (CC-NBS-LRR)
Предполагаемая молекулярная функция/ Proposed function at molecular level	Распознавание углеводных лигандов (например, компонентов клеточной стенки патогенов); АТФ-связывание; протеинкиназная активность.	Связывание АТФ/АДФ; распознавание эффекторов патогенов (Авт-белков); активация сигнальных каскадов защиты.
Биологическая роль в иммунитете/ Biological role in immunity	РАМР-триггерный иммунитет (PTI). Базовая, широкая устойчивость. Выполняет роль паттерн-распознающего рецептора (PRR) на поверхности клетки.	Effector-Triggered Immunity (ETI) специфичная, мощная устойчивость. Выполняет роль внутриклеточного R-белка (гена устойчивости).
Ожидаемый фенотип при активации гена/ Expected phenotype when gene is activated	Активация МАРК-каскада, усиление клеточной стенки, продукция активных форм кислорода (АФК), экспрессия генов PR-белков.	Запрограммированная гибель клеток (HR - гиперчувствительный ответ), системная приобретенная устойчивость (SAR).
Потенциальная роль в устойчивости к пасмо/ Potential role in pasmo resistance	Распознавание консервативных структур <i>S. linicola</i> , обеспечение начального барьера для инфекции.	Специфичное распознавание эффекторов <i>S. linicola</i> , запуск сильной локализованной реакции для подавления биотрофной/ гемибиотрофной фазы патогена.

Целью настоящего исследования являлось выявление генов-кандидатов *Lus10003106* и *Lus10022077*, потенциально связанных с иммунным ответом растений, у образцов льна различного происхождения и оценка возможности применения соответствующих молекулярных маркеров для скрининга селекционного материала.

Материалы и методы

Исследование проводили в генетической лаборатории кафедры генетики, селекции и семеноводства Российского государственного аграрного университета – МСХА им. К.А. Тимирязева. Для научных исследований использовали 29 сортов льна-долгунца и 17 сортов льна масличного различного происхождения из биоресурсной коллекции кафедры (табл. 2).

Выделение геномной ДНК из растительного материала проводили с использованием роботизированной стан-

ции выделения ДНК Allsheng 32s и набора «MagPurePlant DNA Kit» (Guangzhou Magen Biotechnology Co., Ltd, Китай) согласно инструкции производителя. На основании рекомендаций производителя подобрано оптимальное количество растительной ткани и реагентов для выделения ДНК (20-25 мг). Гомогенизацию растительного материала проводили на приборе AllshengBioprep-24 (Allsheng, Китай) в пробирках, содержащих металлические шарики диаметром 3 мм. Качество и концентрацию выделенной ДНК определяли на флуориметре Fluo-200 (Allsheng, Китай) с использованием набора «QuDyeds DNA HS», предназначенного для высокочувствительного определения двуцепочечной ДНК в диапазоне 0,1-100 нг/мл. Оценку чистоты ДНК на предмет отсутствия белковых и фенольных контаминаций проводили методом спектрофотометрии на микрообъемном спектрофотометре K5500Plus (Drawell, Китай) по соотношению оптических плотностей при 260 и 280 нм (A~260~/A~280~).

Таблица 2. Характеристика сортов льна, используемых в исследовании

Table 2. Characteristics of the cultivars used in the study

Сорт/ Cultivar	Устойчивость к пасмо/ Resistance to pasmo	Оригинатор/ Breeding Institution
Сорта льна-долгунца/ Fiber flax cultivar		
‘Веста’	нет данных	РУП «Институт льна», г. Орша, НАН Беларуси
‘Грант’	относительно устойчивый (Kudryavtseva, Rozhmina, 2023)	
‘А 29’	нет данных	
‘Алексим’	нет данных	Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение НИИ льна (ОП НИИЛ), г. Торжок
‘Альфа’	сильно восприимчивый (State Register, 2024)	
‘Атлант’	нет данных	
‘Полёт’	нет данных	
‘Дипломат’	нет данных	
‘Надежда’	нет данных	
‘Росинка’	Восприимчивый(State Register, 2024)	
‘Новоторжский’	нет данных	
‘Факел’	нет данных	
‘Универсал’	нет данных	
‘Тонус’	нет данных	
‘Торжокский 4’	нет данных	
‘Феникс’	нет данных	
‘Крепыш’	нет данных	
‘Квартет’	нет данных	
‘Мерилин’	нет данных	Van de BiltZaden BV, г. Служисвил, Нидерланды
‘Антей’	нет данных	Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение Псковский НИИСХ (ОП Псковский НИИСХ), г. Псков
‘Добрыня’	нет данных	
‘Восход’	нет данных	
‘Памяти Крепкова’	нет данных	Сибирский федеральный научный центр агроботехнологий РАН (СФНЦА РАН), г. Томск
‘Томиш’	нет данных	
‘Томиш 2’	нет данных	
‘Томский 17’	нет данных	
‘Томский 18’	нет данных	
‘Тост 5’	нет данных	
‘Белинка’	нет данных	Limagrain Nederland B.V., Нидерланды
Сорта льна масличного/oil flax cultivar		
‘ВНИИМК 620’	нет данных	Федеральный научный центр Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта (ФНЦ ВНИИМК), г. Краснодар
‘ВНИИМК 620 ФН’	нет данных	
‘Даник’	нет данных	
‘Флиз’	нет данных	
‘Нилин’	нет данных	
‘Ы 117’	нет данных	
‘Ы 220’	нет данных	
‘Северный’	нет данных	
‘Светлячок’	нет данных	
‘Радуга’	нет данных	
‘РФН’	нет данных	
‘Ручеёк’	нет данных	
‘Бирюза’	нет данных	
‘Небесный’	нет данных	
‘Амбер’	нет данных	Tex Nord, Франция
Leona	сильно восприимчивый (Kudryavtseva, Rozhmina, 2023)	
‘ЛМ 98’	нет данных	Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение НИИ льна (ОП НИИЛ), г. Торжок

Оптимальными считали значения в диапазоне 1,8-2,0. Образцы с соотношением $A \sim 260 / A \sim 280 < 1,7$ подвергали повторной очистке. В исследовании использовали праймеры для идентификации генов-кандидатов *Lus10003106* и *Lus10022077*, разработанные на основе данных полногеномного секвенирования и верифицированные методом NCBI BLAST (Chen et al., 2023). Выбор данных пар праймеров обусловлен их специфичностью к целевым локусам и локализацией в функционально значимых экзонах. Длина ожидаемых продуктов амплификации составила 126 пн для *Lus10003106* и 114 пн для *Lus10022077*. Амплификация данных фрагментов позволяет судить о наличии структурного остова целевых генов в исследуемых генотипах. Для оценки воспроизводимости результатов и исключения ложноположительных срабатываний каждый образец анализировали в трех технических повторностях для каждого гена-кандидата. Отрицательным контролем был вариант реакционной смеси, не содержащий в своем составе матрицы ДНК. ПЦР в реальном времени проводили на амплификаторе DtPrime 5 (ДНК-технология, Россия) с использованием набора реактивов 5X qPCRmix-HS (Евроген, Россия) и интеркалирующего красителя 50X SYBR Green I (Евроген, Россия). ПЦР проводили в объеме 25 мкл. Условия амплификации подбирали экспериментально для каждой пары праймеров. Амплификацию гена *Lus10003106* проводили при следующих условиях: начальная денатурация при 95°C – 7 минут, отжиг праймеров при 60°C – 30 секунд, элонгация при 72°C – 1 минуту, финальная элонгация при 72°C – 10 минут, количество циклов – 40. В случае гена *Lus10022077* температурный режим был следующим: начальная денатурация при 95°C – 7 минут, отжиг праймеров при 60°C – 15 секунд, элонгация при 72°C – 45 секунд, финальная элонгация при 72°C – 15 минут, количество циклов – 40.

Результаты и обсуждение

В ходе работы были проанализированы 46 образцов льна, включая 29 сортов льна-долгунца и 17 сортов льна масличного. Для каждого образца оценивали наличие целевых фрагментов двух генов: *Lus10003106* (RLK, PTI) и *Lus10022077* (NBS-LRR, ETI). Эксперименты проводили в трёх технических повторностях. Критериями положительного результата служили: наличие экспоненциального накопления флуоресцентного сигнала с пороговым циклом (C_t) менее 35, а также наличие единичного четкого пика на кривой плавления, температура плавления (T_m) которого соответствовала расчетным значениям для целевых ампликонов, а именно $82,5 \pm 1,5^\circ\text{C}$ для *Lus10003106* и $81,2 \pm 1,5^\circ\text{C}$ для *Lus10022077*. Образцы, демонстрирующие накопление флуоресцентного сигнала с $C_t > 38$ или имеющие неспецифичные пики на кривой плавления, классифицировали как отрицательные по наличию фрагмента целевого гена (табл. 3).

Проведенный qPCR-RT анализ 46 сортов льна, среди

которых были использованы 29 сортов льна-долгунца и 17 льна масличного, с использованием молекулярных маркеров, разработанных для генов-кандидатов *Lus10003106* и *Lus10022077* (He et al., 2019; Chen et al., 2023) позволил установить наличие или отсутствие соответствующих целевых фрагментов генов у образцов льна-долгунца и льна масличного.

При анализе гена *Lus10003106* установлено, что целевой фрагмент этого гена присутствует преимущественно у сортов льна-долгунца. Из 29 проанализированных сортов специфичная амплификация с образованием целевого продукта зарегистрирована у 18, что составило 62,1% от общего числа исследованных сортов. У всех положительных образцов значения C_t находились в диапазоне от 24,8 до 31,2, кривые плавления демонстрировали единичный пик с температурой плавления $82,3-83,1^\circ\text{C}$, что соответствует специфичному ампликону длиной 126 пн.

У льна масличного ген *Lus10003106* не был выявлен ни у одного из 17 исследованных сортов. Накопление флуоресцентного сигнала не превышало порогового уровня ($C_t > 38$), а кривые плавления либо не демонстрировали характерных пиков, либо содержали пики в области низких температур ($68-75^\circ\text{C}$), что свидетельствует о неспецифичной амплификации или образовании праймер-димеров, но не о наличии целевого фрагмента гена.

Нами установлено, что специфичная амплификация целевого фрагмента гена *Lus10022077* характерна для сортов изученной коллекции в большей степени. Высокая частота встречаемости данного гена указывает на его консервативность и возможную значимость в формировании защитных реакций у льна (Chen et al., 2023). В случае льна-долгунца амплификация целевого фрагмента нами зарегистрирована у 16 из 29 сортов (55,2%). Значения C_t для положительных образцов варьировали от 26,1 до 32,4, температура плавления составляла $80,8-82,0^\circ\text{C}$, что соответствует целевому ампликону длиной 114 пн. В случае льна масличного ген *Lus10022077* идентифицирован у 11 из 17 сортов (64,7%). Положительные образцы характеризовались C_t в диапазоне 27,3-33,6 и T_m $80,5-81,9^\circ\text{C}$. Отрицательными в отношении целевого фрагмента данного гена оказались сорта льна-долгунца 'Веста', 'Альфа', 'Дипломат', 'Надежда', 'Росинка', 'Мерилин', 'Новоторжский', 'Факел', 'Универсал', 'Томич', 'Томич 2', 'Восход', 'Белинка' и сорта льна масличного 'Нилин', 'Ы 117', 'Северный', 'Радуга', 'Небесный', 'ЛМ 98'. У этих образцов либо отсутствовало накопление флуоресцентного сигнала ($C_t > 38$), либо кривые плавления имели сложную конфигурацию, не позволяющую однозначно интерпретировать наличие специфичного продукта.

Наибольший интерес для селекционных программ представляют образцы, у которых выявлено одновременное присутствие обоих исследуемых генов (He et al., 2019; Chen et al., 2023). Такие образцы потенциально могут обладать двухуровневой устойчивостью, сочетающей базовый (PTI) и специфичный (ETI) иммунные отве-

Таблица 3. Идентификация генов *Lus10003106* и *Lus10022077* у сортов льна-долгунца и льна масличного

Table 3. Identification of *Lus10003106* and *Lus10022077* genes in fiber flax and oil flax cultivars

Сорт/ Cultivar	Наличие гена <i>Lus</i> / <i>Lus</i> gene presence		Сорт/ Cultivar	Наличие гена <i>Lus</i> / <i>Lus</i> gene presence	
	<i>10003106</i>	<i>10022077</i>		<i>10003106</i>	<i>10022077</i>
‘Веста’	+	-	‘Грант’	+	+
‘А 29’	+	+	‘Новоторжский’	-	-
‘Алексим’	+	+	‘Факел’	-	-
‘Альфа’	+	-	‘Универсал’	+	-
‘Атлант’	+	+	‘Тонус’	+	+
‘Тост 5’	-	+	‘Торжокский 4’	+	+
‘Дипломат’	-	-	‘Феникс’	+	+
‘Надежда’	-	-	‘Крепыш’	-	+
‘Росинка’	-	-	‘Квартет’	+	+
‘Антей’	-	+	‘Полёт’	+	+
‘Мерилин’	-	-	‘Добрыня’	+	+
‘Восход’	-	-	‘Белинка’	-	-
‘Памяти Крепкова’	+	+	‘Томский 17’	+	+
‘Томич’	+	-	‘Томский 18’	+	+
‘Томич 2’	+	-	‘Леона’	-	+
‘ВНИИМК 620’	-	+	‘Северный’	-	-
‘ВНИИМК 620 ФН’	-	+	‘Светлячок’	-	+
‘Даник’	-	+	‘Радуга’	-	-
‘Флиз’	-	+	‘РФН’	-	+
‘Нилин’	-	-	‘Ручеёк’	-	+
‘Ы 117’	-	-	‘Бирюза’	-	+
‘Ы 220’	-	+	‘Небесный’	-	-
‘Амбер’	-	+	‘ЛМ 98’	-	-

* – совместное присутствие обоих исследуемых генов в образцах отмечено цветом/ the combined presence of both studied genes in the accessions is marked in color

You et al., 2022; Chen et al., 2023). В ходе проведенного нами скрининга установлено, что оба локуса присутствуют у 13 сортов льна-долгунца: ‘Алексим’, ‘Торжокский 4’, ‘Феникс’, ‘Памяти Крепкова’, ‘Томский 17’, ‘Томский 18’, ‘Добрыня’, ‘Квартет’, ‘Грант’, ‘Атлант’, ‘Полёт’, ‘Тонус’, ‘А 29’. При этом сорта льна-долгунца ‘Новоторжский’, ‘Факел’, ‘Дипломат’, ‘Надежда’, ‘Росинка’, ‘Мерилин’, ‘Восход’, ‘Белинка’ и сорта льна масличного ‘Нилин’, ‘Ы 117’, ‘Северный’, ‘Радуга’, ‘Небесный’, ‘ЛМ 98’ не содержат ни одного из исследуемых генов либо содержат только один из них.

Несмотря на то, что амплифицируемые фрагменты имеют небольшую длину, их наличие в геноме является надежным индикатором присутствия в нем соответствующих генов. Согласно опубликованным данным (Chen et al., 2023), уровень экспрессии генов-кандидатов *Lus10003106* и *Lus10022077* при инокуляции патогеном *Septoria linicola* существенно выше у устойчивых образцов. Это позволяет рассматривать наличие или отсутствие ампликона в качестве эффективного молекулярного маркера для

первичного скрининга селекционного материала.

Следует отметить, что полученные нами результаты отражают наличие генов, потенциально связанных с устойчивостью к пасмо, но не позволяют напрямую судить о фактической степени устойчивости исследованных сортов без проведения фитопатологической оценки. Для подтверждения фенотипического проявления устойчивости у выявленных генотипов льна планируется проведение фитопатологических испытаний с искусственным заражением штаммами (изолятами) *Septoria linicola*, выделенными из растительного материала, собранного в льносеющих регионах Российской Федерации. Наличие целевых фрагментов генов *Lus10003106* и *Lus10022077* устойчивости к заболеванию сортов подтвердит диагностическую значимость использованных молекулярных маркеров. Сорта, сочетающие в себе гены *Lus10003106* (базовый иммунитет, РТИ) и *Lus10022077* (специфичный иммунитет, ЕТИ), представляют наибольший интерес для селекции, так как потенциально могут обладать комплексной, двухуровневой устойчивостью к пасмо.

Заключение

Проведенный молекулярно-генетический анализ позволил выявить у сортов коллекции льна целевые фрагменты генов-кандидатов *Lus10003106* (RLK, PTI) и *Lus10022077* (NBS-LRR, ETI), потенциально связанных с устойчивостью льна *Linum usitatissimum* L. к пасмо, и оценить частоту встречаемости соответствующих генов у 46 сортов льна различного эколого-географического происхождения. Ген-кандидат *Lus10003106*, ассоциированный с РАМР-триггерным иммунитетом (PTI), выявлен преимущественно в группе сортов льна-долгунца, целевой фрагмент гена идентифицирован у 18 из 29 сортов, а частота его встречаемости составила 62,1%. В группе льна масличного данный локус не был обнаружен.

Ген-кандидат *Lus10022077*, ассоциированный с эффектор-индуцированным иммунитетом (ETI), характеризуется более широким распространением в изученной коллекции. Его частота встречаемости составила 55,2% (16 из 29 сортов) среди льна-долгунца и 64,7% (11 из 17 сортов) среди льна масличного.

В результате молекулярного скрининга выявлены генотипы, сочетающие в себе оба гена-кандидата *Lus10003106* и *Lus10022077*, что позволяет рассматривать их как потенциальные источники комплексной двухуровневой устойчивости (PTI+ETI). К таким генотипам относятся 13 сортов льна-долгунца: 'А 29', 'Алексим', 'Атлант', 'Памяти Крепкова', "Грант", 'Тонус', 'Торжокский 4', 'Феникс', 'Квартет', 'Полёт', 'Добрыня', 'Томский 17', 'Томский 18'.

После экспериментальной валидации используемых молекулярных маркеров и подтверждения их связи с фенотипическим проявлением устойчивости к пасмо выявленные образцы могут рассматриваться как доноры устойчивости для использования их в селекционных программах, направленных на создание сортов с комплексной, двухуровневой устойчивостью к пасмо.

References/Литература

- Ali S.; Tyagi A.; Mir Z.A. Plant Immunity: At the crossroads of pathogen perception and defense response. *Plants*. 2024;13:1434. DOI: 10.3390/plants13111434
- Akhmetshina A.O., Strygina K.V., Khlestkina E.K., Porokhovina E.A., Brach N.B. High-throughput sequencing in flax genetics and breeding. *Ecological Genetics*. 2020;18(1):103-124. DOI: 10.17816/ecogen16126
- Boller T., Felix G. A renaissance of elicitors: perception of microbe-associated molecular patterns and danger signals by pattern-recognition receptors. *Annual Review of Plant Biology*. 2009;60:379-406. DOI: 10.1146/annurev.arplant.57.032905.105346
- Chen S., Yuan H., Yang X., Chen L., Chen J., Liu Y., Wu L., Hu Y., Huang W., Yao Y., Wu J., Kang Q., Song X., Jiang W., Sheng W., Wu G. Identification and analysis of flax resistance genes to *Septoria linicola* (Speg.) Garassini. *Journal of Natural Fibers*. 2023;20(1):2163331. DOI: 10.1080/15440478.2022.2163331
- Chen S., Yuan H., Wu G., Yang X., Liu D., Chen L., Chen J., Liu Y., Yin W., Zhang L. Cloning and functional validation of the candidate gene *LuWRKY39* conferring resistance to *Septoria linicola* (Speg.) Garassini from Flax. *Agriculture*. 2025;15:1561. DOI: 10.3390/agriculture15141561
- Dudchenko I.P., Schukovskaya A.G., Dudchenko G.N. Pasm disease of flax. Biological method of identification of *Septoria linicola*. *Plant Health and Quarantine*. 2022;(2):25-38. [in Russian] (Дунченко И.П., Шуковская Г.Н., Дунченко Г.Н. Заболевание пасмо льна. Биологический метод идентификации *Septoria linicola*. *Фитосанитария. Карантин растений*. 2022;(2):25-38). DOI: 10.69536/k2355-2320-4825-k
- He L., Xiao J., Rashid K.Y., Jia G., Li P., Yao Z., Wang X., Cloutier S., You F.M. Evaluation of genomic prediction for pasmo resistance in flax. *International Journal of Molecular Sciences*. 2019;20(2):359. DOI: 10.3390/ijms20020359
- Jones J.D.G., Dangl J.L. The plant immune system. *Nature*. 2006;444(7117):323-329. DOI: 10.1038/nature05286
- Kolotov A.P., Porokhovina E.A. Characteristics of flax samples (*Linum usitatissimum* L.) from VIR collection studied in the Sverdlovsk Region. *The Bulletin of Izhevsk State Agricultural Academy*. 2025;(1):28-37. [in Russian] (Колотов А.П., Пороховина Е.А. Характеристика изученных в Свердловской области образцов льна (*Linum usitatissimum* L.) из коллекции ВИР. *Вестник Ижевской государственной сельскохозяйственной академии*. 2025;(1):28-37). DOI: 10.48012/1817-5457_2025_1_28-37
- Kudryavtseva L.P., Rozhmina T.A. Flax genotypes with horizontal resistance to pasmo (septoria) for breeding purposes. *Agrarian science*. 2023;(5):78-82. 2023;370(5):78-82. [in Russian] (Кудрявцева Л.П., Рожмина Т.А. Генотипы льна с горизонтальной устойчивостью к пасмо (септориозу) для целей селекции. *Аграрная наука*. 2023;370(5):78-82). DOI: 10.32634/0869-8155-2023-370-5-78-82
- Kutuzova S.N., Porokhovina E.A., Pendinen G.I. Origin and evolution of *Linum usitatissimum* L. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2015;176(4):436-455. [in Russian] (Кутузова С.Н., Пороховина Е.А., Пендинен Г.И. Происхождение и эволюция *Linum usitatissimum* L. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2015;176(4):436-455). DOI: 10.30901/2227-8834-2015-4-436-455
- Porokhovina E.A., Kutuzova S.N., Pavlov A.V., Buzovkina I.S., Brutch N.B. Diversity of flax morphological characters in VIR genetic collection as a result of crop domestication. *Ecological Genetics*. 2018;16(4):33-50. [in Russian] (Пороховина Е.А., Кутузова С.Н., Павлов А.В., Бузовкина И.С., Брач Н.Б. Разнообразие морфологических признаков льна в генетической коллекции ВИР как результат его доместикации. *Экологическая генетика*. 2018;16(4):33-50). DOI: 10.17816/ecogen16433-50
- Porokhovina E.A., Kutuzova S.N., Pavlov A.V., Slobodkina A.A., Yakusheva T.V., Brutch N.B. Collection of flax genetic resources of the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources. *Letters to the Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2021;7(2):75-90. [in Russian] (Пороховина Е.А., Кутузова С.Н., Павлов А.В., Слбодкина А.А., Якушева Т.В., Брач Н.Б. Коллекция генетических ресурсов льна Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова. *Письма в Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2021;7(2):75-90). DOI: 10.18699/LettersVJ2021-7-09
- Simagin A.D., Hanbabaeva O.E., Popchenko M. I., Kudryavtseva L.P. Assessment of the flax varieties resistance to fusarium wilt. *Bulliten KrasSAU*. 2023;(8):39-46. [in Russian] (Симагин А.Д., Ханбабаева О.Е., Попченко М.И., Кудрявцева Л.П. Оценка устойчивости сортообразцов льна-долгунца к фузариозному увяданию. *Вестник КрасГАУ*. 2023;(8):39-46). DOI: 10.36718/1819-4036-2023-8-39-46
- State Register of varieties and hybrids of agricultural plants admitted for usage (National List): official publication. Moscow: Rosinformagrotech; 2024. [in Russian] (Государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию: официальное издание. Москва: Росинформагротех; 2024). URL: <https://gossortrf.ru/upload/iblock/00a/clri6obhduexq6tlf6awcrsp6vm6psk.pdf> [дата обращения: 20.03.2026].
- You F.M., Jia G., Xiao J., Duguid S., Rashid K.Y., Booker H., Cloutier S. Genome-wide association study of pasmo resistance in flax (*Linum usitatissimum* L.). *Frontiers in Plant Science*. 2022;13:897456. DOI: 10.3389/fpls.2022.897456
- Zipfel C. Plant pattern-recognition receptors. *Trends in Immunology*. 2014;35(7):345-351. DOI: 10.1016/j.it.2014.05.004

Информация об авторах

Анастасия Сергеевна Симагина, аспирант, ассистент, кафедра генетики, селекции и семеноводства, Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, 127434 Россия, Москва, Тимирязевская ул., 49, klepikova.anastasi@yandex.ru, <https://orcid.org/0009-0001-3759-9796>

Елена Александровна Вертикова, доктор сельскохозяйственных наук, заведующая, кафедра генетики, селекции и семеноводства, доцент, Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, 127434 Россия, Москва, Тимирязевская ул., 49, vertikova@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2457-7253>

Information about the authors

Anastasia S. Simagina, Postgraduate Student, Assistant, Department of Genetics, Breeding and Seed Production, Russian State Agrarian University – Moscow K.A. Timiryazev Agricultural Academy, 49, Timiryazevskaya Street, Moscow, 127434 Russia, klepikova.anastasi@yandex.ru, <https://orcid.org/0009-0001-3759-9796>

Elena A. Vertikova, Dr. Sci. (Agriculture), Head, Department of Genetics, Breeding and Seed Production, Associate Professor, Russian State Agrarian University – Moscow K.A. Timiryazev Agricultural Academy, 49, Timiryazevskaya Street, Moscow, 127434 Russia, vertikova@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2457-7253>

Вклад авторов: А.С.С. – проведение молекулярно-генетического исследования, подготовка рукописи, анализ результатов. Е.А.В. – методологическое руководство молекулярно-генетическими исследованиями, руководство исследованиями, анализ результатов, подготовка рукописи.

Contribution of the authors: A.S.S. – conducting of molecular genetic research, manuscript preparation, analysis of the results. E.A.V. – methodological guidance of molecular genetic studies, research supervision, analysis of the results, manuscript preparation.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 03.04.2026; одобрена после рецензирования 30.04.2026; принята к публикации 28.06.2026.

The article was submitted on 03.04.2026; approved after reviewing on 30.04.2026; accepted for publication on 28.06.2026.